



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO**

FACULTAD DE CIENCIAS

**Filogeografía del chivirín vientre blanco, *Uropsila
leucogastra* (Troglodytidae: Aves).**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

Biólogo

P R E S E N T A :

Luis Fernando López Flores

**DIRECTORA DE TESIS:
Dra. Patricia Escalante Pliego
2012**





Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA DE
MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS
Secretaría General
División de Estudios Profesionales

Votos Aprobatorios

DR. ISIDRO ÁVILA MARTÍNEZ
Director General
Dirección General de Administración Escolar
Presente

Por este medio hacemos de su conocimiento que hemos revisado el trabajo escrito titulado:

Filogeografía del chivirín vientre blanco Uropsila leucogastra. (Troglodytidae: Aves)

realizado por **López Flores Luis Fernando** con número de cuenta **301122195** quien ha decidido titularse mediante la opción de tesis en la licenciatura en **Biología**. Dicho trabajo cuenta con nuestro voto aprobatorio.

- | | | |
|-----------------------|--|--|
| Propietario | Dra. Blanca Estela Hernández Baños | |
| Propietario | M. en C. María Fanny Rebón Gallardo | |
| Propietario
Tutora | Dra. Bertha Patricia Escalante Pliego | |
| Suplente | M. en C. Marco Antonio Gurrola Hidalgo | |
| Suplente | M. en C. Magali Blanca Isabel Honey Escandón | |

Atentamente,
"POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU"
Ciudad Universitaria, D. F., a 15 de marzo de 2012
EL JEFE DE LA DIVISIÓN DE ESTUDIOS PROFESIONALES

ACT. MAURICIO AGUILAR GONZÁLEZ

Señor sinodal: antes de firmar este documento, solicite al estudiante que le muestre la versión digital de su trabajo y verifique que la misma incluya todas las observaciones y correcciones que usted hizo sobre el mismo.
MAG/CZS/mdm

Hoja de datos del Jurado

1.- Datos del alumno:

López
Flores
Luis Fernando
56962355
Universidad Nacional Autónoma de México
Facultad de Ciencias
Biología
301122195

2.- Datos del Tutor:

Dra.
Bertha Patricia
Escalante
Pliego

3.- Datos del sinodal 1:

Dra.
Blanca Estela
Hernández
Baños

4.- Datos del sinodal 2:

M. en C. María Fanny
Rebón
Gallardo

5.- Datos del sinodal 3:

M. en C.
Marco Antonio
Gurrola Hidalgo

6.- Datos del sinodal 4:

M. en C.
Magali Blanca Isabel
Honey
Escandón

7.- Datos del trabajo escrito:

Filogeografía del chivirín vientre blanco *Uropsila leucogastra*. (Troglodytidae: Aves)
60 pp.
2012

**“... mira al cielo, como lo haces desde niño y desde hoy toma impulso, vuela tan alto
como puedas, no dejes de hacerlo...”
- Anónimo.**

Agradecimientos institucionales

Este proyecto fue financiado por el proyecto “Códigos de Barras del ADN de las Aves de México” IHB016 apoyado por la CONABIO.

En primer lugar, quiero agradecerle a **la Dra. Patricia Escalante Pliego** ya que, la primera vez que llegué a su oficina, en la Jefatura de Zoología, pidiendo una oportunidad de trabajar con el grupo de animales que desde niño me fascina, me recibió con su singular sonrisa y, desde ese momento, me adoptó como miembro de su equipo de trabajo. Primero en el Servicio Social, posteriormente como su alumno, colaborador en varias salidas al campo, trabajo curatorial y de laboratorio, hasta de fotógrafo científico y capturista de datos. Sinceramente, no tengo palabras para agradecerle el tiempo que ha invertido en mi formación profesional, espero algún día recompensarle todo. Gracias Doctora.

A la **Dra. Blanca Estela Hernández Baños** y a la **M. en C. María Fanny Rebón Gallardo** por los comentarios y correcciones al trabajo escrito de esta tesis, muchas gracias, son un ejemplo para muchos alumnos de la Facultad de Ciencias; igualmente, a la **M. en C. Magali Blanca Isabel Honey Escandón** por haberme aceptado en el semestre 2004-II como uno de sus primeros alumnos de Sistemática I (ya mucho tiempo de eso), ahora es momento de aplicar los conocimientos adquiridos en aquellas aulas, mil gracias Magali.

Al **M. en C. Marco Antonio Gurrola**, por haberme enseñado y retroalimentado en el trabajo de campo y curatorial en laboratorio de Ornitología del Instituto de Biología. Maestro Gurrola, en verdad has sido más que un profesor para mí, millones de gracias y “esto que el otro salud”.

A las Biólogas **Erika Maldonado Vilchis** (me pongo de pie) y **Patricia Rosas Escobar**, que desde que llegué al laboratorio de Biología Molecular dieron todo su tiempo para que aprendiera todas las técnicas para que este proyecto fuera una realidad, estaré eternamente agradecido con ustedes, amigas.

A mis compañeros de laboratorio, **Fermín Thonathiu Sanabria Ordóñez**, amigo sin ti esta época de mi vida habría sido menos divertida y por haber dado casi un ojo de la cara por este trabajo de tesis; al **M. en C. Miguel Ángel De Labra Hernández** por su apoyo en el campo, sobretodo en aquella salida a Veracruz en mayo de 2009; a la **Aspirante a Doctora Noemí Matías Ferrer** por sus consejos y aportes para la realización de este proyecto; a la **Biól. Alejandra Cavazos Guadarrama** por sus conocimientos en el campo ayudaron a colectar en Tamaulipas; al **M. en C. David Colón Quezada** por los conocimientos aportados en la elaboración del proyecto, a la **Biól. Agnibed Hernández Galíndez** por sus aportaciones en el campo, a las **Biólogas Marisela Martínez Ruíz y Flavia Termignoni García** por sus comentarios y sugerencias en la preparación del escrito final de esta tesis, a los futuros Biólogos **Esauí, Raymundo e Isabel** (ya apúrense). A todos y todas mil gracias, sin ustedes esto de haber hecho una tesis de licenciatura hubiera sido más difícil.

Agradecimientos a título personal

Dejando un poco las formalidades quisiera agradecer a todas esas personas que han estado, están y estarán en mi vida a lo largo de todos estos años.

A mis padres **María Elena Flores Ciriaco** y **Aniceto Joaquín López Sánchez** que a pesar de no haberme visto con los ojos del cuerpo, los ojos del alma lograron que creyeran en mí desde el primer segundo, los amo más que a nadie en la vida. Gracias mis Héroes.

A **José Joaquín** y a **Miguel Ángel López Flores** (regresa), gracias por acompañarme en todos estos años (ya están viejos) y dirigirme desde cada una de sus “trincheras” mis pasos, nunca dejen de hacerlo por favor. Los amo, a mi manera, pero los amo mucho.

A la **Señora María de la Luz Irma González Palomo** o como ella me enseñó a decirle, “Abuelita Irma”, gracias por todas esas quesadillas, refrescos y sobretodo esas “desmañadas” con el fin de darme mi semana y mi bendición antes de irme a la escuela, es sin duda una gran persona en mi vida.

A mis Padrinos **Félix Santa Cruz** y **Elenita**, que financiaron mi traje con el que me titularé, más que nada gracias por haberme apoyado cuando más los necesitamos hace diez años y hasta la fecha siguen y sé que lo seguirán haciendo mientras vivan.

Desde este punto omitiré apellidos por cuestiones de espacio más que de memoria; Gracias a todos mis amigos de la infancia **Rubén, Roberto** y **Lalo** con los que en cierta parte compartí mi infancia y mis primeras peleas.

A los compañeros y amigos de la Secundaria Técnica Número 25 con los que viví 600 días llenos de alegrías, tristezas y travesuras: **Alfredo, Juan Carlos, Edwin, Ebert, Irma, Gisella, Israel, Ricardo, Johana, Rubén, Luis Eduardo, Hugo** y **Alejandro**, gracias por iniciar conmigo el amor por la Biología, aunque ustedes no se acuerden.

Como no poner a los que junto conmigo iniciaron mi amor a la Universidad Nacional Autónoma de México y que por más de 12 años me ha recibido con los brazos abiertos; en la época más maravillosa de un estudiante, “La Prepa” y fue en la 2: **Ana**, contigo descubrí lo maravilloso de la biología, infinitas gracias, **Alejandro** (el Sabio) que me copiaba en los exámenes, menos en los de matemáticas, **Marco** (mi otro Yo), **Hugo, Jonathan, Pepe, Humberto, Guillermo, Belem, Berenice** y **Manuel**. Con ustedes aprendí que no todo en la vida es estudiar.

Posteriormente llegué a lo que me apasiona, la Biología en la Facultad de Ciencias y en ella conocí gente y profesores magníficos. **Yoli**, gracias por soportarme tantas cosas buenas y feas (yo si te estoy poniendo en mi tesis de licenciatura y tú no), **Manuel** y **Erick** (mis hijos) sin ustedes la carrera no hubiera sido divertidísima, **Mario**, tú me enseñaste que la Biología no es como te la pintan en la escuela, así que desde ahí me apliqué en las matemáticas y en lo molecular; **Tany Tindu, Luis, Toño, Romano, Rosario** y los que no recuerdo ahorita sus nombres, mil gracias por compartir mi amor a la Biología.

A **Héctor Quintanar** y familia, que sin su valioso apoyo, esta tesis no fuera lo que es hoy día.

Como no todo en mi vida han sido laboratorios y aulas. A ustedes Padres y Frailes de la Orden de San Agustín: **Miguel Ángel, Odilón, Fidel, Jesús, Gregorio, Gerardo** (sin duda un hermano y en parte como soy se lo deben a él), **Edgar, Baltasar, Juan Manuel, José Luis** (tú me enseñaste que tenía que aspirar a más), **Celestino, Andrés, Horacio** y **Ricardo** (sí mi “Richie”, tienes que seguir adelante y ser más que ellos). Gracias por abrirme las puertas de su casa en el Convento de Santa Rita de Casia (mi mamita protectora), sin sus enseñanzas, oraciones y regaños no sería lo que soy.

Muy especialmente quiero agradecer por que siempre han estado ahí (por orden de aparición en el show llamado mi vida): **Ricardo, Claudia, Alejandra, Don Ricardo, Carlos Gerardo, Mari, Armando, Lupita, Sandy, Cristina, Reina, Don Raúl, Mamá Reina, Shantal, Kena, Luis Fernando** (el Pelos), **Lizette, Don Fernando** y **Carmen, Soraya, Marlene, Lucero, Erick, Pablo, Ricardo, Daniel, Jaime, Denisse, Fernanda, Berenice, Vero, Cony, Patty, Maggie, Frida, Don Rafa** (la tele no es lo mismo sin usted), **Mónica Yañez**, a mi **ahijado Rogelio**, a mi Comadre **Karina, Karime**, a **Luis Octavio** y sus papás **Luz y Octavio, Diana, Pepe, Axel, Alma, Michel, Miguelón** y **Danielita**.

A las que siguen junto a mí, soportándome como “director” en el proyecto que es parte de mi vida: “Kerigma Angelus”, **Celia**, gracias por abrirme las puertas de su casa desde hace más de diez años, le agradeceré toda mi vida el momento en el que me compartió su máximo tesoro y luz en mi camino, **Laura**, tú me enseñaste que en la depresión y en la desesperación, existe alguien hermoso en el interior de las personas, por favor sigue creciendo y que cada día que pase estés mejor y que en algún día ese ser precioso sea el que domine tu vida. **Angélica, Xóchitl, Ángela** y **Andrea**, gracias por soportarme cada semana y llegar antes de las 9 de la mañana los domingos.

Muy en especial a **Don Luis Lara**, “Don Luigi” usted es como un segundo padre, me enseñó las cosas más básicas y esenciales de la vida, para mi usted es un Santo.

Al Profesor **Enrique Córdova Guerrero**, donde quiera que estés mil gracias ya que tú me iniciaste en la guitarra, cantar y dirigir un coro (aunque es una estudiantina tipo rondalla). Mil gracias mi maestro (él sí era un maestro en eso de dirigir coros).

Y cruzando un poco la frontera. A mi Maestra **Mariana Peña**, tú me enseñaste que donde quiera que esté haré lo que más me gusta, **Rosa María Miguet** tus consejos me impulsaron a seguir adelante a los Maestros **Sergio Méndez, Alfredo Guerrero, Rodrigo Guerrero** y **Daniel Rojas**, señores ustedes me han adoptado como su hermano menor, les agradezco mucho, también a **Fr. Max, Fr. Raúl, Fr. Valentín, Esperanza, Anita, Karlita, Gerardito, Juan Manuel, Javier, Monse, Gisella, Lorena** y **Daniel** gracias por haberme abierto las puertas de su corazón estos últimos meses.

A los que me han hecho cruzar fronteras y salir de mi colonia, **Antonio Ortega, Rubén Sandoval, Miguel Saloma, Roberto C. Alcántara, Andrés, Victoriano, Miguel Urbán, Patty, Félix, mi Chelito, Pilar, Cecilia, Betty, Blanca, Kevín, Momo, Chabelito, MC, LC, P2P, CPM, CPL, Watsi, BB, y Nerón,** amigos gracias por confiar en mí.

A los que se han tenido que ir voluntariamente o involuntariamente de mi vida, gracias porque sin sus aportaciones a mi persona no sería lo que soy.

Y por que los últimos serán y son los primeros: a ti **Katia Darely Vidal Ortiz**, no sé si fue la suerte o el azar...que te pusieron justo aquí... de un sutil azul pintas mi interior... te encontré en medio de la tempestad... yo era un lienzo sin pintar... un sueño fuera de lugar... en tu mirada me reconocí... descubrirte fue tan inesperado...nunca más correr...contigo puedo ser... vuelvo a comenzar. Gracias mi Licenciada en Derecho, sin ti esto no estaría pasando.

Dedicada a:

A **Patricia Escalante Pliego**, maestra, asesora y amiga. Gracias por todo su apoyo.

A mis padres:

† **Joaquín y Maria Elena**, ustedes me enseñaron a observar lo que para otros es imposible, los amaré hasta que mi organismo deje de producir endorfinas.

A mis hermanos:

José y Miguel, ya que ustedes comparten conmigo información genética que espero pueda aumentar mi adecuación en poco tiempo.

A los pequeños amantes de la ciencia:

Karla Paola, Luis Octavio y Juan Manuel:

Porque ustedes son el futuro de la Biología y mi orgullo, gracias por ser mis pequeños exploradores de la vida.

ÍNDICE

Índice.....	9
Índice de Tablas y Figuras.....	10
Resumen.....	12
Introducción.....	13
Antecedentes.....	15
a) Consideraciones generales sobre sobre la Familia Troglodytidae.....	15
b) Consideraciones generales sobre <i>Uropsila leucogastra</i>	16
c) Estudios ecológicos y filogeográficos previos.....	20
Justificación.....	23
Hipótesis.....	23
Objetivo General.....	23
Objetivos Particulares.....	23
Métodos.....	24
a) Obtención de muestras de tejido y trabajo de campo.....	24
b) Trabajo de laboratorio.....	28
c) Análisis genéticos.....	29
d) Análisis bayesiano.....	30
e) Análisis morfológico.....	30
Resultados.....	32
a) Red de haplotipos con el gen mitocondrial COI.....	32
b) Relaciones filogenéticas	33
c) Morfológicos.....	36
Discusión.....	42
• Gen mitocondrial COI.....	42
• Morfológico.....	43
• Conservación.....	44
Conclusiones.....	45

Literatura citada.....	46
Anexo.....	53

ÍNDICE DE TABLAS Y FIGURAS

Figura 1. Distribución de <i>Uropsila leucogastra</i>	17
Figura 2. Localidades donde se obtuvieron las 30 muestras de tejido reunidas de <i>Uropsila leucogastra</i> en la distribución potencias de esta especie.....	25
Figura 3. Ubicación de los puntos de colecta y de los ejemplares depositados en la CNAV a los cuales se les tomó medidas morfológicas.....	31
Figura 4. Distribución geográfica de los 9 haplotipos con el método Median-Joining utilizando el marcador COI de las poblaciones de <i>Uropsila leucogastra</i>	32
Figura 5. Cladograma construido con el marcador COI de <i>Uropsila leucogastra</i> con el método de máxima parsimonia.....	33
Figura 6. Árbol de máxima verosimilitud obtenida con el marcador COI de <i>Uropsila leucogastra</i>	34
Figura 7. Árbol de neighbor-joining con el gen mitocondrial COI.....	35
Figura 8. Árbol de inferencia bayesiana con el marcador COI de <i>Uropsila leucogastra</i>	36
Figura 9. Variación en la longitud del tarso (mm) entre poblaciones.....	37
Figura 10. Diagrama de caja donde se observa la variación en la longitud de la cola (mm) entre poblaciones.....	37
Figura 11. Diagramas de distribución de datos en el análisis de Componentes principales..	40
Cuadro 1. Localidades de las 30 muestras de tejidos de <i>Uropsila leucogastra</i> , con las localidades donde se colectó durante el desarrollo del proyecto.....	26

Cuadro 2. Resultados del análisis de componentes principales de las medidas del culmen de pico, tarso, cuerda alar y cola de los ejemplares depositados en la CNAV de *Uropsila leucogastra*.....40

Fotografía 1: Vista ventral de ejemplares de *Uropsila leucogastra*, donde se observa la diferencia en tonalidades en las pieles; agrupadas por subespecies, tres por cada una. De izquierda a derecha *U.l.pacifica*, *U.l.leucogastra* y *U.l.brachyura* respectivamente.....38

Fotografía 2: Vista lateral de ejemplares de *Uropsila leucogastra*, donde se observa la diferencia en tonalidades en las pieles; agrupadas por subespecies, tres por cada una. De izquierda a derecha *U.l.pacifica*, *U.l.leucogastra* y *U.l.brachyura*, respectivamente.....39

Fotografía 3: Vista dorsal de ejemplares de *Uropsila leucogastra*, donde se observa la diferencia en tonalidades en las pieles; agrupadas por subespecies, tres por cada una. De izquierda a derecha *U.l.pacifica*, *U.l.leucogastra* y *U.l.brachyura* respectivamente.....39

RESUMEN.

Uropsila leucogastra (Aves: Troglodytidae) es una especie cuasi-endémica de México con distribución restringida a los 600 msnm para ambas vertientes (Golfo y Pacífico). A partir de los tejidos congelados de ejemplares de esta especie de ave en la CNAV-IBUNAM se obtuvieron secuencias del gen citocromo oxidasa I (COI) y se detectó una diferenciación geográfica significativa entre individuos de diferentes partes del área reproductiva. Se llevaron a cabo 5 salidas de campo con el fin obtener una mayor cantidad de muestras para estudiar la diferenciación de la especie a nivel genético, inicialmente con el gen COI o código de barras molecular de animales. En total se obtuvieron 30 secuencias de 7 poblaciones de ambas vertientes. Los resultados indican, que hay una divergencia marcada entre las poblaciones del Golfo, las del Pacífico y las de la Península de Yucatán (distancia promedio entre los 3 grupos de poblaciones del 5.0%). Con base en esto se podría dividir a esta especie a nivel mitocondrial, en tres especies. Estas separaciones coinciden con huecos espaciales de la distribución y diferencias morfológicas detectadas a nivel de plumaje en este mismo estudio, por lo que es muy probable que estos grupos de poblaciones merezcan el reconocimiento de especies separadas. Análisis moleculares y ecológicos adicionales pondrán a prueba esta hipótesis.

INTRODUCCIÓN.

La República Mexicana comprende un complejo mosaico de especies y ecosistemas que se entienden con la búsqueda de patrones, tendencias geográficas en la riqueza de especies y acumulación de especies endémicas. Este patrimonio natural se debe a que México presenta un medio físico producto de una historia geológica y climática muy compleja. El origen de la diversidad de especies, tanto de flora como de fauna, tiene muchas explicaciones. La primera consiste en que hubo una invasión de grupos de plantas y animales, tanto del sur como del norte, en lapsos geológicos diferentes que incrementaron el número de especies presentes en el país. La segunda, que existieron procesos geológicos y paleoclimáticos que fragmentaron la distribución de las especies y que derivó en la formación de nuevas especies *in situ* (CONABIO, 2006). Por lo tanto a México se le considera como un centro de alta biodiversidad, pues una gran parte de su territorio se caracteriza como centro de riqueza y alta fragilidad ecológica (*hotspot*), donde se concentran un buen número de especies endémicas (Luna-Vega, 2008).

Uno de los factores por los que nuestro país puede mantener una alta diversidad de biota es el diverso patrón geográfico ambiental que presenta. En particular se encuentran los sistemas montañosos que se conocen como las Sierras Madre. También tenemos la acción de los vientos alisios y la oscilación temporal del cinturón subtropical de alta presión, que a su vez, contribuyen a tener un patrón climático muy diverso (Rzedowski, 2006).

Estos factores han llevado a postular dos regiones biogeográficas históricas en México: la región Neártica y la región Neotropical. La primera se distribuye en el Norte y el Altiplano Mexicano, mientras que la segunda abarca las tierras bajas tropicales y la Península de Yucatán (Newton, 2003).

La mayor parte de la diversidad de las especies que se observan en la actualidad en México han sido provocadas por los cambios climáticos que han transformado el paisaje de América del Norte en los últimos dos millones de años (Lovette, 2005). Existieron periodos glaciales más fríos y los inter-glaciales más cálidos que provocaron cambios en los hábitats de los organismos; estos procesos históricos pudieron haber influido en la especiación de

aves que se distribuyen en México, ya que fueron restringidas a ciertas zonas geográficas durante miles de años y posteriormente han expandido su distribución geográfica (Klicka, et al., 2001).

La disciplina que estudia las variaciones genéticas en diferentes poblaciones de una especie o especies emparentadas es conocida como Filogeografía (Zinck, 1996). En las últimas décadas se han realizado muchos estudios con poblaciones de aves con diferentes marcadores moleculares: isoenzimas, ADN mitocondrial (mtADN) y ADN nuclear, los cuales han ayudado a entender las fuerzas evolutivas que provocan especiación y, que a través de millones de años, dan como resultado el origen de nuevos linajes. Cabe mencionar que los estudios filogeográficos buscan encontrar la relación entre la estructura genética de las especies actuales y su origen histórico-geográfico mediante el uso de marcadores moleculares (Avice, 1999).

El concepto *filogenético de especie* ha sido desarrollado por varios autores con algunas diferencias. El primero en definirlo fue Cracraft (1983), como el grupo más pequeño de organismos que es diagnosticablemente diferente de otros organismos similares y dentro del cual hay un patrón de ancestría-descendencia. Nixon y Wheeler (1990), definen la especie como las agregaciones más pequeñas de poblaciones o linajes diagnosticados por una única combinación de estados de carácter que reflejan una relación ancestro-descendiente. Ahora bien, para reconocer y delimitar una especie filogenética primero se identifican y analizan los atributos que reflejen una secuencia ancestro-descendiente en los individuos de los grupos o poblaciones, para así obtener los estados de carácter. Posteriormente, se realiza una comparación interpoblacional por medio de una matriz de los perfiles de cada población y, finalmente, se divide la matriz en grupos a partir de los diferentes estados de carácter. Cada uno de estos grupos será una especie filogenética.

Los resultados de un análisis filogenético se pueden representar en un cladograma donde los grupos o clusters más pequeños dentro de esta relación son considerados unidades evolutivas separadas. El concepto filogenético asume que entre los grupos formados hubo un proceso de especiación, por lo que el flujo génico entre estos grupos es casi nulo y que probablemente la selección natural, la deriva génica y la mutación actuaron de manera diferencial sobre los caracteres de los individuos. Los caracteres que se toman para

reconocer y delimitar especies filogenéticas pueden ser fenotípicos (morfológicos, fisiológicos, bioquímicos o moleculares) o genotípicos, siempre y cuando sean homólogos, es decir, que reflejen una relación de ancestría en común entre los grupos (Eguiarte et al., 2007).

ANTECEDENTES.

a) Consideraciones generales sobre la familia Troglodytidae.

El chivirín vientre blanco es miembro de la familia Troglodytidae, la cual se distribuye en el continente americano a excepción de la especie *Troglodytes troglodytes* que se distribuye en Eurasia y norte de África (Del Hoyo, et al., 2005). Las aves de la familia Troglodytidae se caracterizan por presentar de tamaños chicos a medianos (9 a 22 cm de largo), además, carecen de colores brillantes, siendo el plumaje más o menos críptico para imitar el hábitat en el que viven (Márquez-Valdemar, 1998). Destacan las tonalidades desde el amarillo, café, rojo, gris o negro, con diferentes patrones de bandas en los plumajes de cada especie (del Hoyo, et al., 2005). Estas aves han sido capaces de habitar en diferentes tipos de ambientes que van desde las selvas altas hasta las áreas urbanas; en cada una de ellas, ocupan nichos ecológicos diferentes al de otras especies de aves. Sin importar el hábitat en el que se encuentren, estas aves prefieren la vegetación densa y muy cerca del suelo, por lo que rara vez se les ve en vuelos muy largos, lo que les permite escapar de sus depredadores (Márquez-Valdemar, 1998). Suelen construir nidos dormitorio y reproductivos dependiendo de si los individuos de esta familia son monógamos o polígamos. Los organismos de esta familia han desarrollado cantos muy elaborados para el cortejo. En su totalidad son insectívoros, aunque algunos se alimentan de materia vegetal en invierno (del Hoyo, et al., 2005).

b) Consideraciones generales sobre *Uropsila leucogastra*.

Descripción y Distribución:

El chivirín vientre blanco es un ave de tamaño pequeño (de 9.5 a 10 cm) de longitud total. La línea superciliar y los lados de la cabeza son de color blanco, la línea postocular es café grisáceo. El dorso y la corona, son de color café grisáceo con barras oscuras en las alas y cola. El vientre es de color blanco pálido con marrón pálido o café amarillo claro en los flancos, la región anal es de color marrón pálido con barras café oscuro. El iris y la maxila son de color café oscuro, mientras que la mandíbula es de color marrón pálido con la punta café o gris; el pico es recto; los tarsos son de color café claro, beige o gris (Márquez-Valdemar 1987, 1998).

Es una especie cuasi-endémica de México, es decir, se distribuye casi en la totalidad en nuestro país y una parte, en países vecinos (Guatemala, Belice y una población aparentemente en Honduras); mientras que el resto se distribuyen en ambas vertientes de la República Mexicana (Howell y Webb, 1995). En el Golfo de México se encuentran desde Tamaulipas hasta la Península de Yucatán, norte de Guatemala, Belice y en una localidad de Honduras llamada Coyoles (A.O.U, 1998); mientras que en el Pacífico se encuentra desde Jalisco hasta Guerrero (Figura 1).

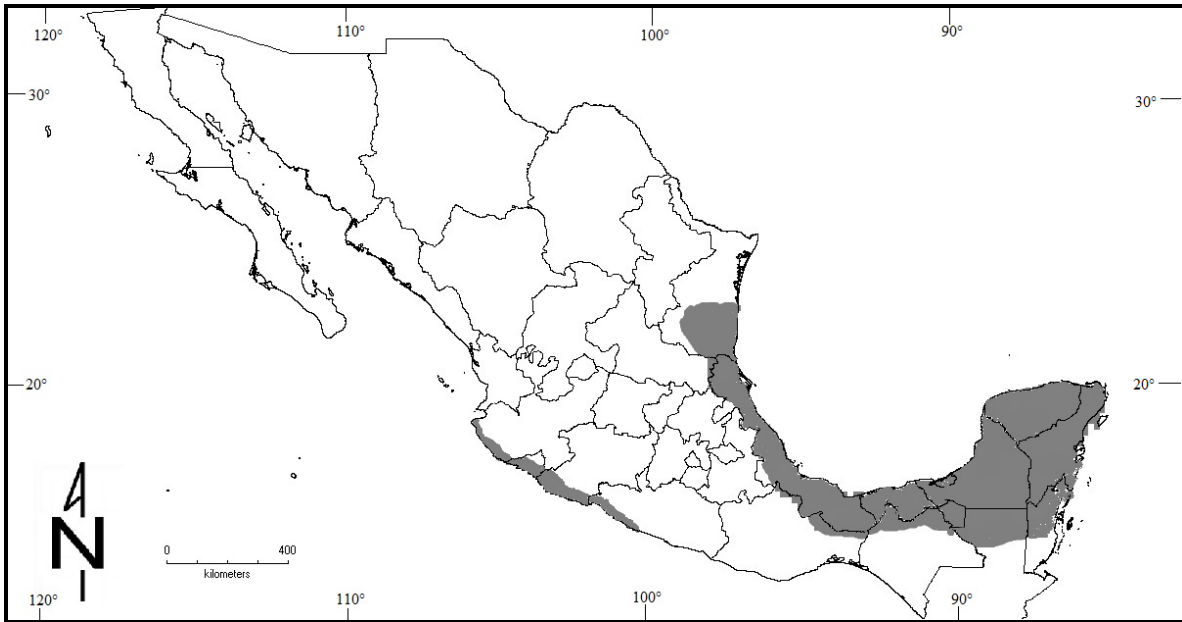


Figura 1: Distribución de *Uropsila leucogastra* (Howell y Webb 1995).

A lo largo del tiempo se han descrito 4 subespecies de *Uropsila leucogastra* en México, las cuales se basan en diferencias de coloración, medidas y distribución geográfica:

- *U. l. leucogastra* fue descrita como especie nominal en el año de 1837 (Gould, 1836), la cual se localiza en las partes bajas del Golfo de México desde el sur de Tamaulipas y San Luis Potosí hasta el norte de Oaxaca (Del Hoyo, et al., 2005). Los individuos de esta subespecie tienen la corona, cuello y dorso de color café amarillento oscuro, llegando a ser café oscuro, la parte posterior del dorso, es la más oscura en comparación con las demás sub-especies (Philips, 1986 Márquez-Valdemar, 1998).
- *U. l. pacifica*, descrita por Nelson en 1897 se ubica en la costa del Pacífico, desde el sur de Jalisco hasta el norte de Guerrero (del Hoyo et al., 2005). La descripción original menciona que a comparación de las otras subespecies, el dorso es más rojizo marrón, la línea superciliar y los costados de la cabeza son más marcados, los lados del cuello y el pecho son color ceniza, y que los flancos y cobertoras de la

cola son marrón leonado más brillante que el de las otras. El resto de las partes posteriores son blancas. Las alas y la cola son más largas (Nelson, 1897). Phillips (1986), menciona que la corona, el cuello y el dorso son de color amarillento oscuro. Mientras que en la parte posterior del dorso es café. Concluye que el dorso es más pálido que las demás subespecies.

- *U. l. musica*, descrita por Nelson en 1903, se distribuye en el sur de México, desde el Noreste de Oaxaca, Istmo de Tehuatanpec, Tabasco y Norte de Chiapas, llegando a Guatemala y Belice (Del Hoyo, et al., 2005). En la descripción original menciona que es similar a *U.l. leucogastra* y *U.l brachyura*, pero más oscura en la parte dorsal, que es de un color café rojizo más marcado y carece de barrado en la cola.
- *U. l. brachyura*, descrita en 1887 por Lawrence, es reportada en la Península de Yucatán, en el norte de Guatemala, Belice y norte- centro de Honduras. En su descripción original, Lawrence (1887) lo describe como de un tono más grisáceo en el dorso. Las rayas de la cola son más conspicuas así como el barrado de las cobertoras inferiores. Destaca el color marrón en las partes del cuerpo como el pico, tarsos y dedos son del mismo color. El color del plumaje según Phillips (1986) se describe de la siguiente manera: la corona y el cuello de color café amarillento oscuro o entre café y café amarillento. El dorso es café amarillento oscuro y el dorso café amarillento oscuro o café fuerte .

Hábitat:

El chivirín vientre blanco habita en sotobosque de selva alta perennifolia, selva mediana sub-caducifolia, selva baja caducifolia y matorral espinoso de manera natural (Howell y Webb, 1995). También en cultivos, en zonas de crecimiento secundario, se le encuentra desde del nivel del mar hasta los 600 msnm (A.O.U., 1998, Márquez-Valdemar, 1987 y 1998).

Hábitos:

A esta especie se le localiza en parejas casi todo el año. Posteriormente a la reproducción es común ver grupos de 3 a 4 individuos. Se bañan en la tierra o se acicalan con la secreción de su glándula uropigial. Inician su día desde antes del amanecer, aunque su mayor actividad es en las primeras horas de la mañana, terminando después de que se oculta el sol. Se escucha el canto, tanto del macho como el de la hembra, durante todo el año, aunque es más común el llamado en la época seca y el canto en la época húmeda. El canto es melodioso y rítmico, mientras que el llamado es emitido si son perturbados, amenazados por un depredador o sienten peligro para su nido debido a un ave extraña. Se les ha observado cantando en duetos cuando forrajean, buscando alimento para sus crías, material para sus nidos, o cuando están en éstos (Márquez -Valdemar, 1987, Noguera, et al., 2002).

Alimentación:

Buscan su alimento en el suelo entre la hojarasca, entre el follaje de algunas plantas, troncos de arbustos y árboles a una altura no mayor de 4 metros, aunque se les ha visto hasta los 12 metros de altura. Como la mayoría de los integrantes de la Familia Troglodytidae, son insectívoros, ya que se alimentan de individuos de los Órdenes: Orthoptera, Coleoptera, Hymenoptera, Isoptera y larvas de algunos Lepidóteros, entre otros artrópodos (Sutton, 1948; Márquez-Valdemar 1987; Noguera, et al, 2002).

Reproducción:

Se reproducen en la época húmeda, de abril a agosto. Sólo presentan una nidada anual y son monógamos. El nido que forman es redondo y es construido por ambos sexos en un periodo de 3 a 4 semanas. Los lugares donde construyen sus nidos es variable: desde bejucos, bromeliáceas y árboles de *Acacia sp.* La altura varía desde los 90 cm hasta los 18 metros de alto; en promedio de dos a cuatro metros. El material con el que construyen los nidos son ramas y hojas secas, raquis de inflorescencias, semillas de alguna planta con estructura

algodonosa, pedúnculos de flores, musgo, líquenes, plumas, cápsulas de artrópodos, plásticos e hilos (Sutton 1948; Márquez-Valdemar 1987; Noguera et al, 2002).

Márquez-Valdemar (1998) menciona que esta ave prefiere hacer sus nidos en acacias, ya que existe una relación entre el ave y sistema hormiga/acacia de comensalismo. Donde las hormigas al proteger el árbol, inadvertidamente reducen el riesgo de depredación del nido, mientras que estos insectos se benefician al tener acceso a las heces y ectoparásitos del ave.

Los huevos son de color azul verdoso, son ovalados, con un tamaño en promedio de 18.18 por 12.93 mm; son puestos en intervalos de un día, para un total de cuatro. El periodo de incubación es de 16 días, siendo la hembra la que más tiempo pasa incubando los huevos. El cuidado y alimentación de los pollos lo realizan ambos padres.

Algunos de sus depredadores son ciertos reptiles como las serpientes y el tlacuachín (*Marmosa canescens*) que invade los nidos del chivirín vientre pálido en la época de incubación, se alimenta de los huevos y ocupa los nidos como madriguera (Márquez-Valdemar, 1987; Noguera, et al, 2002).

Además del nido reproductivo, construyen nidos para pasar la noche (nido dormitorio), los cuales son más pequeños y sin cubierta interna de plumas o semillas algodonosas. Generalmente durante la época de lluvias se encuentran de uno a tres individuos y en la época seca de uno a nueve en cada nido (Márquez-Valdemar 1987 y Noguera et al, 2002).

c) Estudios ecológicos y filogeográficos previos.

Márquez-Valdemar (1987), realizó un estudio sobre la biología de *Uropsila leucogastra* en la región de Chamela, Jalisco, enfocado en varios aspectos conductuales como la alimentación, hábitat, reproducción y cuidado parental. Destacó que hasta ese momento, se habían publicado 17 trabajos sobre la especie. De los cuales la mayoría, se referían a su sistemática y taxonomía, mientras que los demás trabajos hablaban sobre su ecología y reproducción. Menciona además, que faltaban estudios que profundizaran en el análisis de todas las especies de la familia Troglodytidae incluida *U. leucogastra*, por lo que varios

autores han tenido problemas en ubicar a esta especie dentro de la taxonomía de su propia familia.

En 2004, Navarro-Sigüenza y Peterson dividen a *Uropsila leucogastra* en un género y dos especies diferentes con base en estudios morfológicos, utilizando en concepto filogenético de especie: *Uropsila pacifica* para los individuos distribuidos en las tierras bajas del Pacífico, desde Jalisco hasta el centro de Guerrero, siendo sus datos característicos el canto y las patas oscuras; siendo endémico de México; y *Uropsila leucogastra* para los individuos distribuidos en el este del país hasta el norte de Guatemala, siendo sus datos característicos el canto y las patas claras, considerándolo cuasi-endémico de México.

En 2006, Mann y colaboradores realizaron un estudio molecular para analizar las relaciones filogenéticas entre 23 especies del género *Thryothorus* y otras especies de la misma familia incluyendo a *Uropsila leucogastra* basándose en el trabajo de Barker (2004) que fue el primero en proponer una filogenia de la familia Troglodytidae utilizando secuencias, de un gen mitocondrial (citocromo b) y un gen nuclear (el cuarto intrón del gen β -fibrogéno ó FGB-I4). Los resultados de Mann emparentaron al chivirín vientre pálido con varias especies del género *Thryothorus* y de dos especies del género *Henichorina*: *H. leucosticta* y *H. leucophrys*.

Los estudios, utilizando secuencias de la región mitocondrial citocromo oxidasa I ó COI, han demostrado tener un sólido historial de identificación de especies en distintos grupos taxonómicos diferentes al grupo de las aves como peces, insectos y anfibios (Ward, et al, 2005; Hajibabaei, et al, 2006; Smith, et al., 2008). Estudios previos en aves de Norteamérica revelaron que el 94% de las especies pueden ser diagnosticadas con códigos de barras (Hebert, et al., 2004). Se ha demostrado que también los códigos de barras en aves han ayudado a resolver la situación taxonómica de especies afines que han llegado a hibridizar, como los obtenidos por Yoo, et al, (2006) en aves de origen Paleártico en Corea.

Sigue existiendo la necesidad de investigaciones similares en el Neotrópico, que es un *hotspot* de diversidad de aves, con una fauna de 3,370 especies que se reproducen y de éstas 3,121 especies endémicas a esta región (Newton, 2003). Además de esta diversidad de

taxones, las especies tropicales a menudo poseen una mayor estructura genética de sus contrapartes de la zona templada (Hackett, 1996; García-Moreno, 1999). Por ambas razones, se ha argumentado que la avifauna Neotropical está poniendo a prueba los códigos de barras de ADN (Moritz, 2004). Es evidente que para realizar una investigación a gran escala se necesita un estudio amplio de la diversidad en la secuencia COI, ya que, en aves neotropicales permite el análisis de los patrones de divergencia genética y la distribución geográfica de los distintos linajes, así como comparaciones con otras áreas geográficas. Un ejemplo claro fue en el trabajo publicado por Kerr, et al., (2009) con aves de Argentina, siendo el primer estudio de gran amplitud en aves de Sudamérica. En dicho estudio se propone que las especies de aves de aquella región han tenido altas tasas de divergencia y diversidad genética entre grupos de especies afines, como pasa en la mayoría de las especies del Neotrópico.

En cuanto a estudios filogeográficos de especies distribuidas en México, están las mencionadas por Hernández-Baños, et al., 2007 , donde se reportan varios trabajos filogeográficos de aves como: *Melospiza melodía*, *Petrochelidon fulva*, *Meleagris gallipavo*, *Wilsonia pusilla*, *Meleagris gallopavo*, *Toxostoma lecontei*, *Branta canadensis*, *Passerina iliaca*, *Melospiza melodia*, *Spizella passerina*, *Agelaius phoeniceus*, *Campylorhynchus brunneicapillus*, *Auriparus flaviceps*, *Cyananthus latirostris*, *Lampornis amethystinus*, *Melanerpes formicivorus*, entre otros.

JUSTIFICACIÓN.

Ante la falta de investigaciones previas en las que se hable sobre la genética poblacional y biogeográfica de *Uropsila leucogastra*, en el presente trabajo se abordó este tema, utilizando como marcador mitocondrial el gen COI (Citocromo Oxidasa I) el cual se ha usado como código de barras molecular para la identificación de especies (Hebert, et al; 2004) .

HIPÓTESIS.

El análisis de las poblaciones de *Uropsila leucogastra* a través del marcador molecular COI dará una diferenciación genética correspondiente al nivel de especie (aproximadamente 2% de diferenciación genética máxima entre poblaciones) de acuerdo a la caracterización morfológica conocida de la especie, así como la estructura de poblaciones de *Uropsila leucogastra* posiblemente no será detectable con este marcador molecular.

OBJETIVO GENERAL.

- Realizar un estudio genético mitocondrial y morfológico, en diferentes poblaciones de *Uropsila leucogastra* dentro del margen de distribución de esta especie en México.

OBJETIVOS PARTICULARES.

- Elaborar un análisis genético mitocondrial con el gen citocromo oxidasa I de poblaciones de ambas vertientes del país.
- Analizar diferencias morfológicas a partir de ejemplares conservados en la Colección Nacional de Aves del Instituto de Biología de la UNAM (CNAV-IBUNAM).

MÉTODOS.

a) Obtención de muestras de tejido y trabajo de campo:

Se utilizaron muestras de tejido de 23 individuos de *Uropsila leucogastra* de distintos puntos dentro de la distribución de esta especie previamente obtenidas en proyectos de la Colección Nacional de Aves del Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México (CNAV-IBUNAM) (Cuadro 1). Adicionalmente se realizaron 6 salidas de campo para obtener más muestras. Estas salidas se llevaron a cabo entre abril de 2009 y febrero de 2011, se obtuvieron 7 ejemplares (Figura 2).

En cada una de las salidas se colocaron en promedio 10 de redes de niebla de 12 m de largo por 3 m de altura. Estas estuvieron abiertas desde media hora antes del amanecer hasta el atardecer. En la mañana las redes se revisaron cada hora, después del medio día, la revisión de cada una se llevó a cabo en periodos de 90 minutos. En caso de que se capturara algún individuo de *Uropsila leucogastra* (máximo 5 individuos por localidad), éstos fueron fotografiados y pesados para ser sacrificados con el fin de conservar piel y tejidos de cada uno.

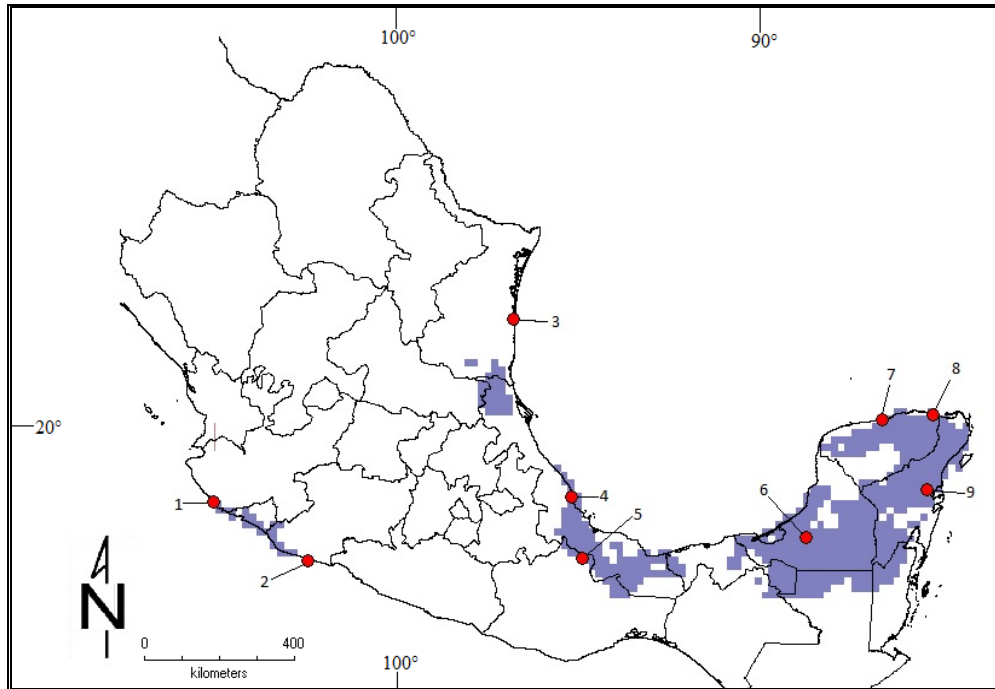


Figura 2: Número de localidades donde se obtuvieron las 30 muestras de tejido reunidas de *Uropsila leucogastra*, así como la distribución potencial de esta especie obtenido en DIVA-GIS (Hijmans., et al., 2004), ver Cuadro 1. Localidades de las 30 muestras de tejidos de *Uropsila leucogastra*.

Cuadro 1. Localidades de las 30 muestras de tejidos de *Uropsila leucogastra*. *Localidades donde se colectó durante el desarrollo del proyecto:

	País	Estado	Localidad	Número de individuos por localidad	Latitud	Longitud
1*	México	Jalisco	La Huerta, Estación de Biología Chamela	6	19.523	-105.08
2	México	Michoacán	Lázaro Cárdenas, Rancho la Botonera	1	18.103	- 102.395
3*	México	Tamaulipas	Soto la Marina, Vista Hermosa	4	23.809	- 97.9359
4*	México	Veracruz	Actopan, La Mancha	3	19.559	-96.396
5	México	Oaxaca	Tuxtepec, Sebastopol	1	18.105	-96.114
6	México	Campeche	Escárcega	6	19.6333	- 90.6667
7	México	Yucatán	Reserva de Dzilam, Sancho San José	1	21.5165	- 88.4365
8	México	Yucatán	Reserva de la Biósfera Ría Lagartos, El Cuyo	5	21.459	-87.678
9	México	Quintana Roo	Reserva de la Biósfera de Sian Ka`an, Estación Santa Teresa	3	19.725	-87.808

. *Localidades donde se colectó durante el desarrollo del proyecto.

El desarrollo de las salidas de campo fue el siguiente:

Desde el 28 de abril al 04 mayo y del 26 al 28 de junio de 2009 se intentó coleccionar en una localidad de la región de Los Tuxtlas, en el estado de Veracruz llamada Tres Zapotes, donde se había reportado a mediados del siglo pasado la presencia de esta especie. Ésto no se logró en gran parte por el porcentaje (90%) de deforestación de la zona para el uso de actividades humanas como la ganadería y el cultivo extractivo. En un manchón con algunos árboles de *Acacia sp.* se ubicó a un individuo por medio del canto, el cual fue capturado en una red de niebla muy cerca del matorral donde se encontraba un nido dormitorio. Dicho individuo escapó en el momento de la manipulación para tomar datos merísticos.

De igual manera, los días 30, 31 de mayo y 1 de junio de dicho año se colectaron 4 individuos en el Rancho San Pablo, Municipio de Soto la Marina en Tamaulipas, caracterizado por presentar selva baja caducifolia. Esta zona se encontraba en buenas condiciones en cuanto a la cobertura vegetal primaria.

A partir del 21 al 23 abril de 2010, en la salida a la zona denominada “La Mancha”, que se encuentra a 30 km de la Ciudad de Cardel en la parte centro de Veracruz dentro del Rancho “San Antonio” se pudo coleccionar un solo individuo, el cual se capturó a unos metros de un nido dormitorio. En este lugar la vegetación dominante fue selva baja caducifolia y manglar. Posteriormente se regresó a dicho lugar entre el 22 y el 25 de junio del mismo año, pudiendo coleccionar otros dos individuos junto al nido reproductor que se ubicaba aproximadamente a 1.5 m de altura.

Finalmente del 22 al 25 de febrero de 2011 se realizó una salida a la selva de El Ocote en Chiapas con base en un registro de canto reportado en dicha zona en el 2009; se ubicó el tipo de vegetación donde se distribuye esta ave, pero no se capturó ningún individuo con las redes, ni con los cantos que se llevaron en grabaciones o presencia alguna de nidos dormitorio o reproductores.

Todos los ejemplares coleccionados, fueron depositados en la CNAV-IBUNAM donde hoy día se conserva la piel y muestras de tejido de corazón, hígado, riñón y músculo pectoral.

b) Trabajo de laboratorio:

De cada muestra de tejido muscular; hepático o cardíaco se extrajeron 200 µl de DNA genómico usando la técnica estandarizada de fenol-cloroformo que a continuación se describe:

- a) Se colocaron 3 mm² de tejido en un tubo de 1.5ml, 700 µl de buffer de extracción (10 mM Tris-HCl a un pH 8, 100 mM de EDTA, 100 mM NaCl y 1% CDS) y 7 µl de Proteinasa K.
- b) Se dejó incubar a 56° C con agitación durante veinticuatro horas.
- c) Posteriormente, se añadieron 250 µl de fenol y 250 µl de cloroformo, los cuales se tuvieron que agitar bien.
- d) Se centrifugó por 10 minutos a 13200 r.p.m, para trasladar el sobrenadante a otro tubo de la misma capacidad.
- e) Ya trasladado el sobrenadante, se le colocaron 500 µl de Cloroformo, tras ser agitado bien, se puso a centrifugar a la misma velocidad y tiempo que el primer tubo.
- f) El sobrenadante fue trasladado a un tercer tubo, añadiéndole 700 µl de etanol frío al 100%, para dejar precipitar aproximadamente 24 horas a 4° C.
- g) El próximo paso fue centrifugar en refrigeración durante 10 minutos a 13200 r.p.m.
- h) Después se decantó el alcohol y al tubo se le añadieron 700 ml de etanol al 70% frío. Las muestras se volvieron a centrifugar en las mismas condiciones que el punto anterior.
- i) Una vez más se decantó el alcohol, mientras se secó el precipitado (botón de DNA) en una centrífuga con vacío por 20 minutos.
- j) Una vez seco, al tubo se le añadieron 200 µl de agua bi-destilada esterilizada.
- k) Por último se verificó la extracción de DNA a través de una electroforesis en gel de agarosa al 2%.

Con el fin de amplificar la región que codifica el gen mitocondrial COI (Citocromo Oxidasa I se usaron los iniciadores (primers) COI BirdF1 (TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC) y COI BirdR2 (ACTACATGTGAGATGATTCCGAATCCAG) (Hebert et al., 2004). Mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con el siguiente protocolo: la desnaturalización inicial de 94° C por 1 minuto, 5 ciclos de 94°C por 30 segundos, la alineación de 48°C por 40 segundos, la extensión de 72°C por un minuto. Para la extensión o elongación, 3 ciclos de 94°C por 30 segundos, 47°C por 40 segundos y 72°C por un minuto, seguidos de 30 ciclos de 94°C por 30 segundos, 53°C por 90 segundos y 72°C por 90 segundos y para la extensión final un periodo de 5 minutos a 72°C. Finalmente los resultados de la PCR fueron verificados por medio de una electroforesis en un gel de agarosa al 2%, manteniéndose en refrigeración a 4°C (Hebert et al, 2004).

Las amplificaciones fueron mandadas a secuenciar al Instituto de Biodiversidad de Ontario, Universidad de Guelph, Canadá.

c)Análisis Genéticos:

Una vez recibidas las secuencias, fueron alineadas en el programa MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) versión 5 (Tamura, et al., 2011) y corroboradas en el programa Bio-Edit versión 7.0.5.3 (Hall, 1999), además de alinearlas con una secuencia homóloga de *Thryothorus sinaloa* que fue utilizada como grupo externo obtenida de la CNAV-IBUNAM.

Con un total de 30 secuencias alineadas del gen COI, se obtuvo el número haplotipos (h) con el programa DNAsp versión 5.10.01 (Librado y Rozas, 2009).

Se construyeron redes de unión entre haplotipos con el Programa Network 4.6.0.0 (Bandelt, et al., 1999) bajo el método de Median Joining.

Las relaciones entre los individuos fueron resueltas mediante árboles de filogenia empleando los siguientes modelos: el primero fue el de distancia genética con el método de neighbor-joining obteniendo el árbol de consenso usando el modelo de 2- parámetros de

Kimura. Luego se utilizaron modelos de máxima verosimilitud y el de máxima parsimonia usando el programa Mega 5 (Tamura et al, 2011).

Con el fin de obtener el modelo de sustitución de nucleótidos que más se ajustara a los datos se empleó el programa Model Test v.3.7 (Posada y Crandall, 1998).

d) Análisis Bayesiano:

Con el fin de realizar análisis de inferencia bayesiana se utilizó el programa BEAST: (Bayesian Evolutionary Analysis by Simpling Trees; (Drummond y Rambaut, 2007); utilizando el modelo HYK con un modelo heterogéneo gamma de 4 categorías.

e) Análisis Morfológico:

Se tomaron medidas de largo de pico, cola, tarso, cuerda alar; además de la coloración con la ayuda de una guía de clasificación de colores (Smithe, 1975); sexo y edad de 32 ejemplares depositados en la CNAV-IBUNAM (Figura 3). Estas fueron clasificadas en grupos de sub especies, con base a su distribución geográfica.

Con las medidas de pico, tarso, cuerda alar y cola; se realizaron Análisis de varianzas (ANOVA) de cada una de las variables para determinar cuál de ellas puede ser significativa de acuerdo a su distribución geográfica, así como un análisis de Componentes principales con el programa BioGoggles (<http://www.nktsoft.com/biogoggles/index.html>).

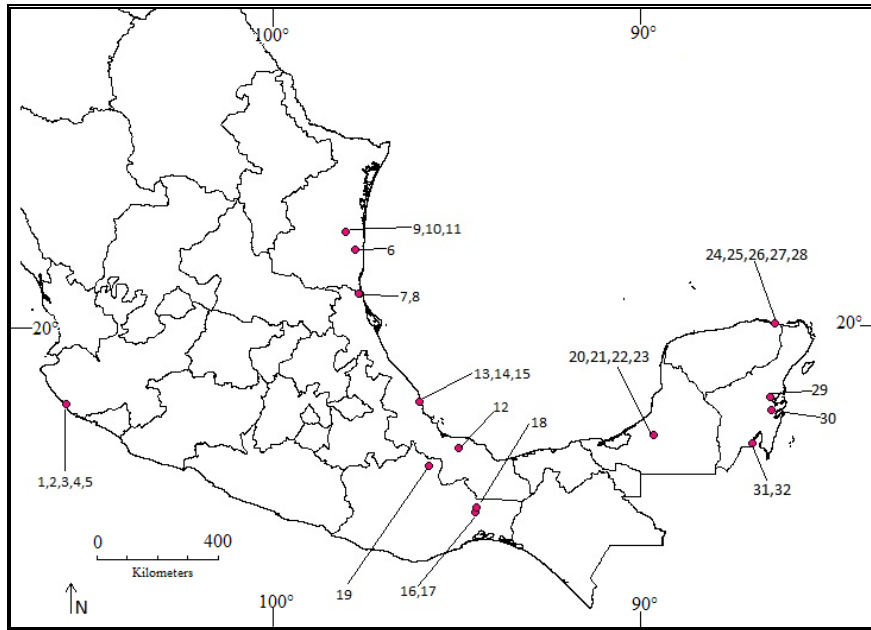


Figura 3: Ubicación de los puntos de colecta y de los ejemplares depositados en la CNAV a los cuales se les tomó medidas morfológicas (Ver Anexo 1).

RESULTADOS

a) Red de haplotipos con el gen mitocondrial COI:

Se obtuvieron un total de 30 secuencias del gen COI que en este caso constó de 692 pb. Se identificaron 9 haplotipos los cuales se distribuyeron de acuerdo a la distribución geográfica de las secuencias obtenidas de las muestras de tejido de la siguiente manera: Golfo, Pacífico y Península de Yucatán (Figura 4). Ningún haplotipo se comparte entre zonas, quedando los haplotipos 1 y 2 (rosa y rojo) para el Pacífico, del 3, 4, 5 (azul cielo, azul agua y azul rey) para el Golfo y finalmente del 6 al 9 (naranja, marrón, amarillo y morado) para la Península de Yucatán. El haplotipo con más individuos fue el 7 (marrón) con 9 ubicándose en la península de Yucatán, es decir, la distribución de los haplotipos corresponde a la distribución geográfica de las secuencias. Los haplotipos fueron definidos por 43 sitios segregantes o polimórficos (S), 43 mutaciones y 40 sitios parsimoniosamente informativos.

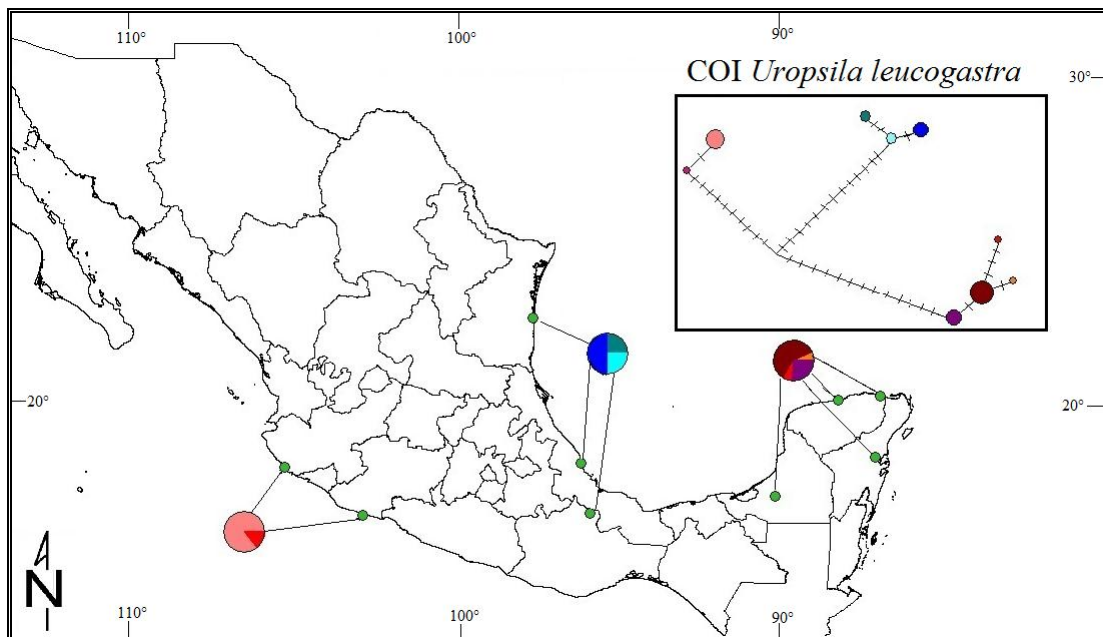


Figura 4: Distribución geográfica de los 9 haplotipos con el método *Median-Joining* utilizando el marcador COI de las poblaciones de *Uropsila leucogastra*.

El análisis de Máxima Verosimilitud arrojó el árbol único más probable (logL -1471.5552). Los resultados se ordenan en tres grupos, emparentando a los del Golfo y Pacífico con una distancia del 8.8% y separando a los de la Península con una distancia del 9.28% de estos dos (Figura 6).

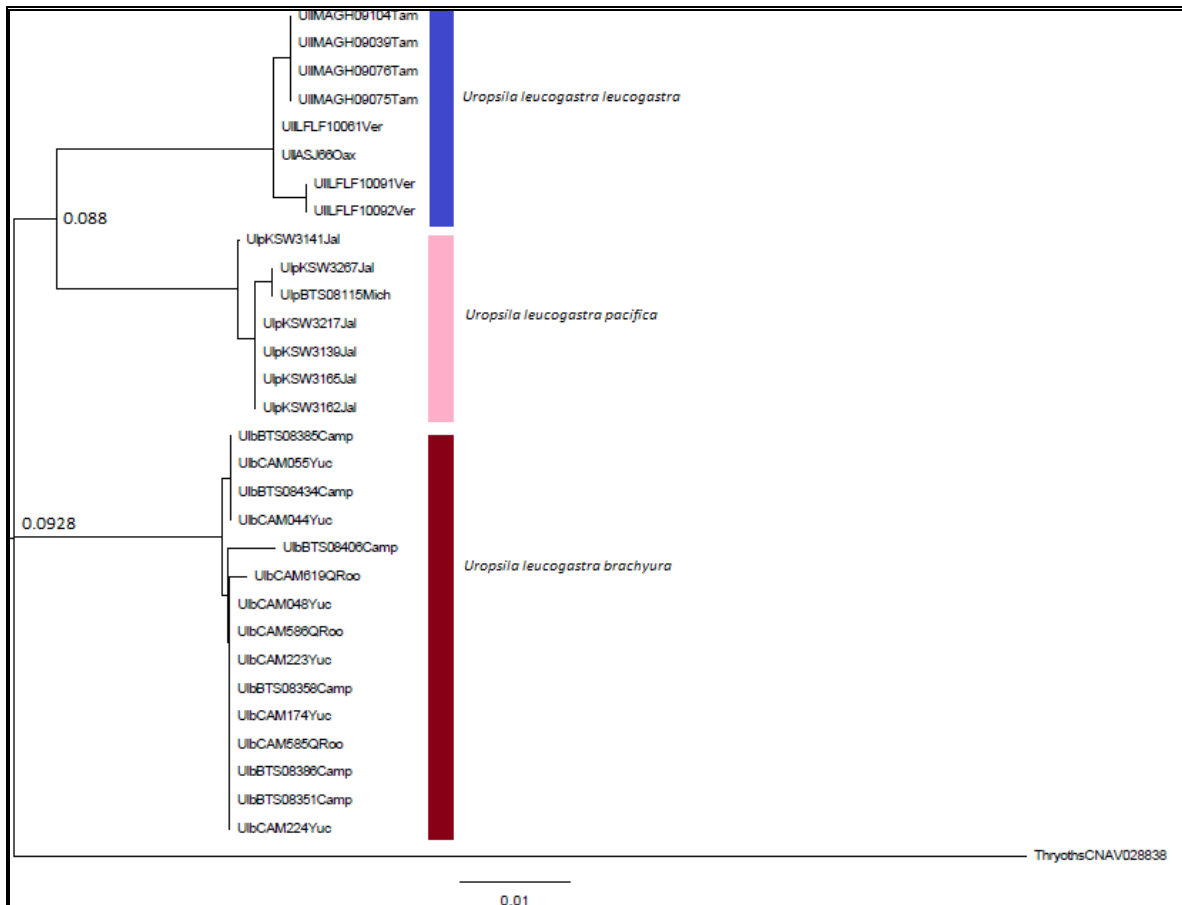


Figura 6: Árbol de máxima verosimilitud obtenida con el marcador COI de *Uropsila leucogastra*. En los nodos se muestra el valor de distancia entre grupos y en las terminales, la subespecie de cada uno, así como el lugar de colecta de cada una de las muestras.

Se obtuvo bajo el método neighbor joining un árbol de relaciones filogenéticas donde se distinguen tres grupos o ramas altamente soportadas. El primero incluye los haplotipos que corresponden al Golfo de México (Tamaulipas, Veracruz y Oaxaca), el segundo a los que se encuentran en el Pacífico (Jalisco y Michoacán), mientras que en el tercero se concentran

los que corresponden a la Península de Yucatán (Campeche, Quintana Roo y Yucatán), con los valores de bootstrap para cada nodo (Figura 7).

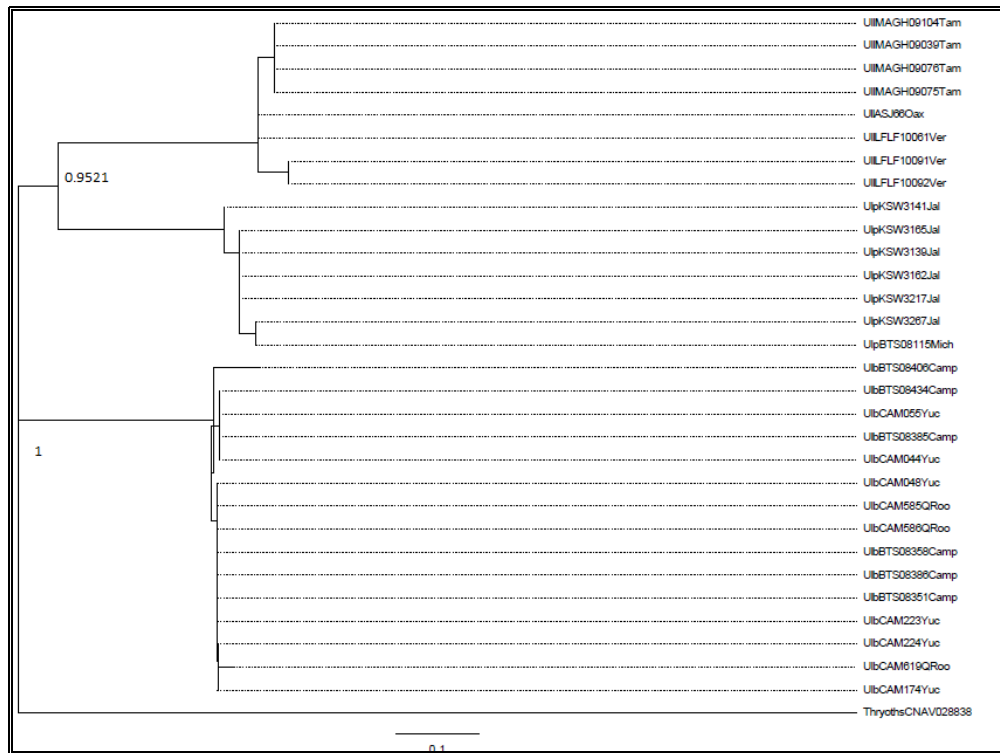


Figura 7: Árbol de neighbor-joining con el gen mitocondrial COI. Se encuentran los valores de bootstrap en cada nodo. Los nombres de cada rama están dados por sub-especie y lugar de procedencia.

En el análisis realizado en el Modeltest v.3.7 (Posada y Crandall, 1998). Se obtuvo que el modelo que más se ajustó a los datos fue el TIM2+I (3407. 2327).

Con el análisis bayesiano se obtuvo un árbol que agrupa a los individuos en tres grupos, uniendo al del Golfo y Pacífico en un clado y los de la Península en uno más antiguo (Figura 8).

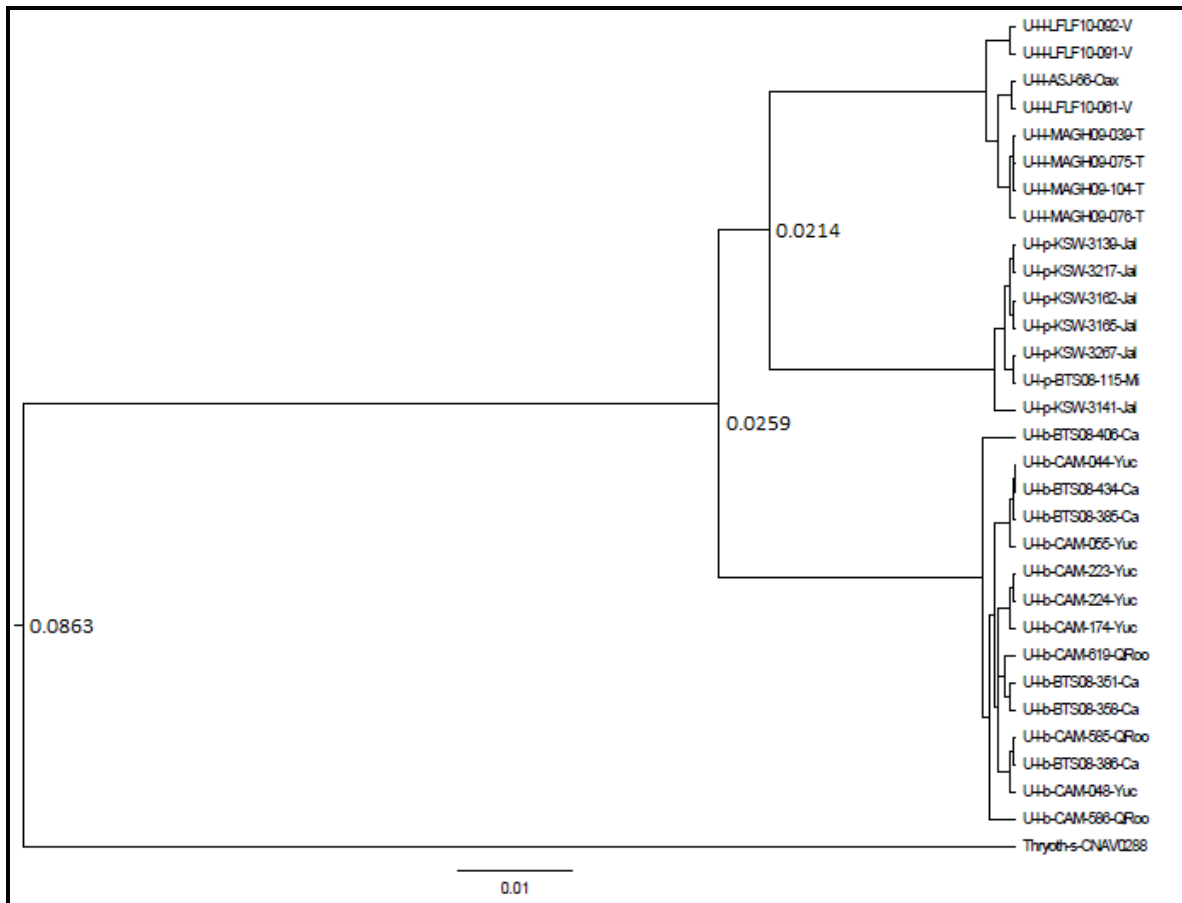


Figura 8: Árbol de inferencia bayesiana con el marcador COI de *Uropsila leucogastra* donde se agrupan los datos en tres nodos de acuerdo a su distribución geográfica.

c) Morfológicos:

De 32 individuos depositados en la CNAV-IBUNAM de *Uropsila leucogastra* fueron clasificados por subespecie, con base a las descripciones morfológicas originales (Anexo 1). Se realizaron análisis de varianza por medio de pruebas de Tukey, con el fin de determinar si eran significativas ($P > 0.05$) las diferencias en tamaños de pico, tarso, cuerda alar y cola entre individuos poblaciones. Se demostró que el tamaño de los tarsos entre la población de la Península de Yucatán y las otras dos poblaciones difieren ($P=0.0013033$ y $P= 0.0001832$) (Figura 9). Mientras que el tamaño de cola entre la población de la Península y la del Pacífico presentó diferencia significativa ($P=0.0467838$) (Figura 10). Los tamaños de pico y cuerda alar no fueron sirgnificativos.

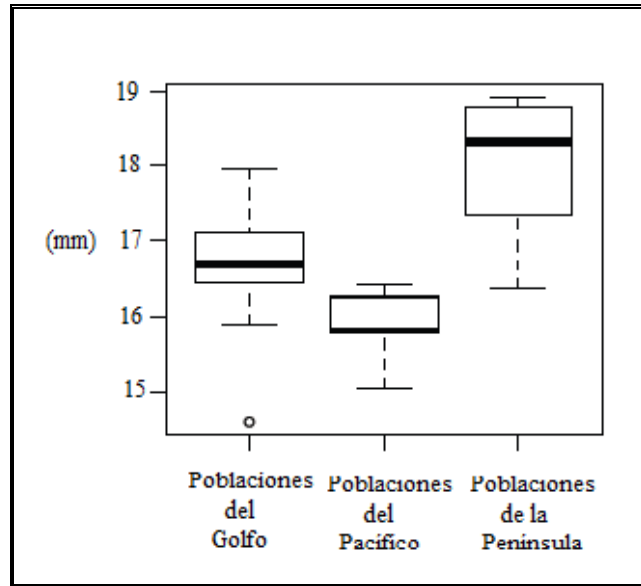


Figura 9: Variación en la longitud del tarso (mm) entre poblaciones, destacando la diferencia entre las del Pacífico y Golfo en relación con las de la Península de Yucatán

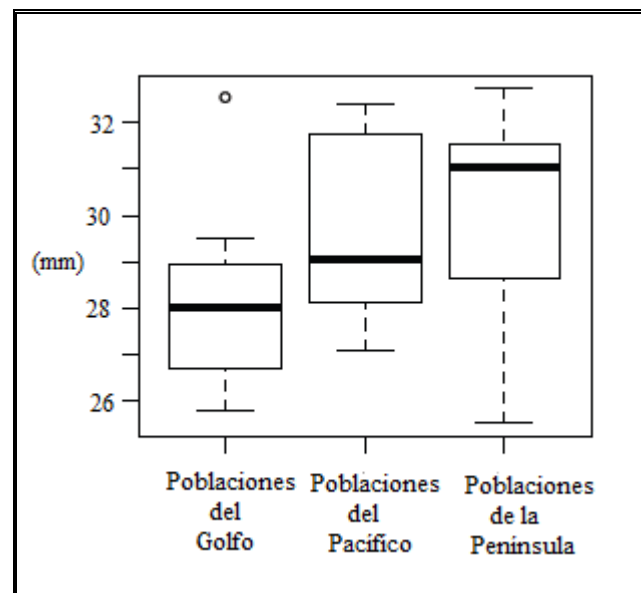


Figura 10: Diagrama de caja donde se observa la variación en la longitud de la cola (mm) entre poblaciones.

En cuanto a la coloración de las pieles, se observaron diferencias en la tonalidad de las mismas, siendo los ejemplares del Golfo los que presentan tonalidades más oscuras, Color 20, Dark Grayish Brown (Smithe, 1975), en la cabeza, dorso, flancos del vientre y el bandeo de la cola en comparación con las del Pacífico y de la Península, Color 21 Fuscous (Smithe, 1975) (Fotografías 1,2 y 3).



Fotografía 1: Vista ventral de ejemplares de *Uropsila leucogastra*, donde se observa la diferencia en tonalidades en las pieles; agrupadas por subespecies, tres por cada una. De izquierda a derecha *U.l.pacifica*, *U.l.leucogastra* y *U.l.brachyura* respectivamente.



Fotografía 2: Vista lateral de ejemplares de *Uropsila leucogastra*, donde se observa la diferencia en tonalidades en las pieles; agrupadas por subespecies, tres por cada una. De izquierda a derecha *U.l.pacifica*, *U.l.leucogastra* y *U.l.brachyura*, respectivamente.



Fotografía 3: Vista dorsal de ejemplares de *Uropsila leucogastra*, donde se observa la diferencia en tonalidades en las pieles; agrupadas por subespecies, tres por cada una. De izquierda a derecha *U.l.pacifica*, *U.l.leucogastra* y *U.l.brachyura* respectivamente.

En el análisis de componentes principales se consideraron las medidas de pico, tarso, cuerda alar y cola de los 32 individuos de *Uropsila leucogastra*. Los dos primeros componentes principales explicaron juntos el 72.51% de la varianza. El primero de ellos mostró una correlación con la cola y el tarso, mientras que el segundo apareció relacionado con las medidas de cola y cuerda alar (Cuadro 2 y Figura 11).

Cuadro 2: Resultados del análisis de componentes principales de las medidas del culmen de pico, tarso, cuerda alar y cola de los ejemplares depositados en la CNAV de *Uropsila leucogastra*.

	Valor de Eigen	Porcentaje de Varianza relativa	Porcentaje de Varianza acumulada	Valor de Varianza de Pico	Valor de Varianza de Tarso	Valor de Varianza de Cuerda alar	Valor de Varianza de Cola
PCA 1	0.007	39.737	39.737	-0.028	0.551	-0.333	0.765
PCA2	0.006	32.774	72.511	-0.835	-0.033	0.507	0.213
PCA3	0.003	15.663	88.174	-0.525	0.268	-0.641	-0.491
PCA4	0.002	11.826	100	0.163	0.79	0.471	-0.358

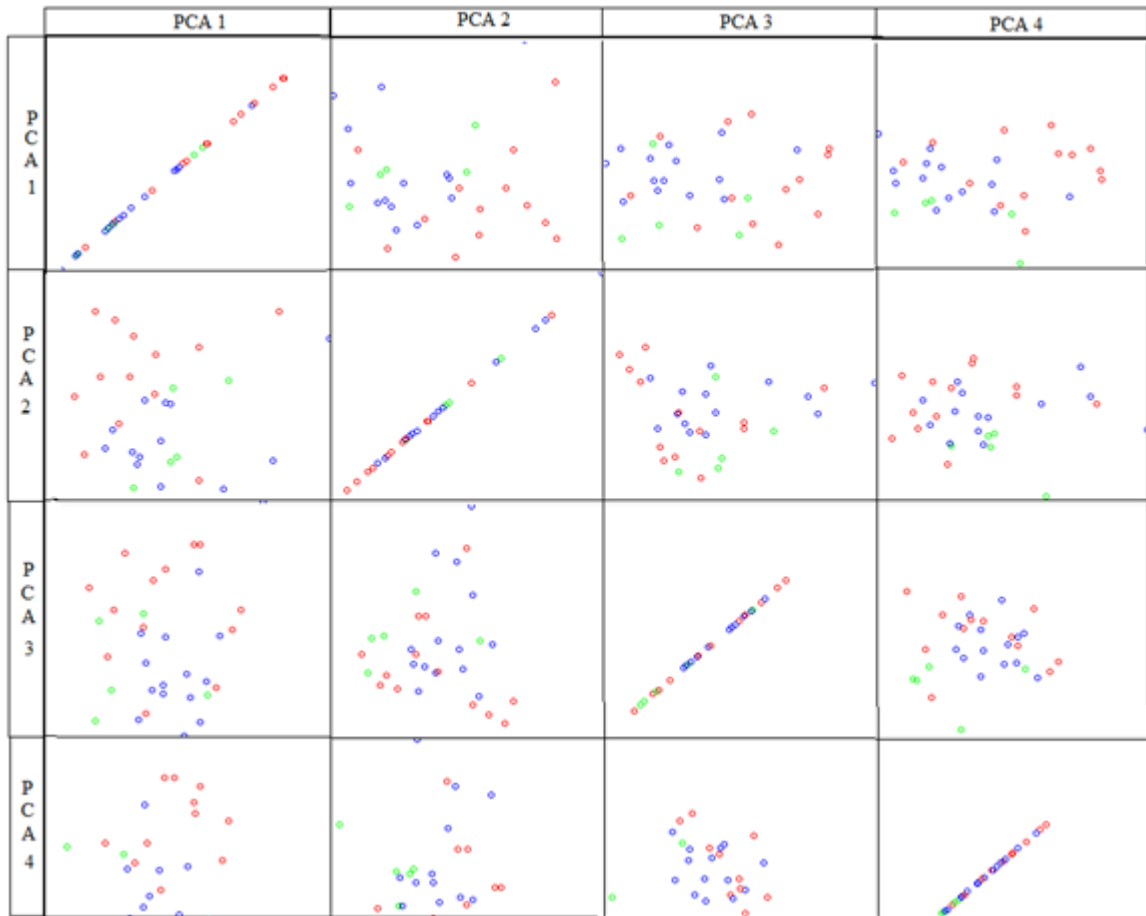


Figura 11: Diagramas de distribución de datos en el análisis de Componentes principales.

DISCUSIÓN.

a) Gen mitocondrial COI:

La red de haplotipos que se obtuvo con este marcador señala que las poblaciones están separadas en tres grupos: Pacífico (10 mutaciones), Golfo (13 mutaciones) y Península (13 mutaciones) lo que indica que no hay un flujo génico entre ellos. En cada uno de los grupos se distinguen haplotipos predominantes en cuestión de número de individuos pero ninguno se comparte entre ellos.

En cuanto a las relaciones filogenéticas, de distancias y el análisis bayesiano se muestra una separación en tres clados entre los individuos del Pacífico, Golfo y la Península que corresponde a los resultados obtenidos en la red de haplotipos.

Para estimar la divergencia entre los clados se utilizó el reloj molecular de ADN mitocondrial para aves y mamíferos que tiene una tasa de diferenciación alta, el cual es de 2% por millón de años (Klicka y Zink 1997). Esto muestra una separación en los árboles del más de 5%, lo que nos indica una separación de las especies de hace 2.5 millones de años. Por lo que se infiere que las poblaciones de *Uropsila leucogastra* se separaron durante el Plioceno tardío e inicios del Pleistoceno, el cual es considerado un importante periodo para la evolución aviar (Klicka y Zink, 1999) ya que las condiciones climáticas obligaron a las poblaciones a contraerse.

U. l. pacifica con distribución en las costas del Pacífico, *U. l. leucogastra* en el Golfo y *U. l. brachyura* localizada en la Península de Yucatán, se podrían considerar como tres especies diferentes por la falta de contacto entre las poblaciones, la cual pudo ocurrir desde el Plioceno y por las barreras geográficas. Se han observado que los factores históricos, los ecológicos y la conducta de los organismos han jugado un papel fundamental al moldear la estructura genética de varias especies (Avice et al. 1987). A la síntesis de éstos se le llamó patrón filogeográfico (Avice, 1999). El patrón filogeográfico que nos muestran los resultados obtenidos en este trabajo pertenece a la Categoría I, que corresponde a un árbol genético con divergencia antigua, linajes alopátricos. Está dado por la presencia de

haplogrupos restringidos a un área geográfica determinada, separados por distancias genéticas relativamente grandes (Avise, 1999), que corresponden a la información obtenidas con el marcador mitocondrial usado en este estudio.

b)Morfológico:

La coloración del plumaje los ejemplares provenientes del Pacífico (*U. l. pacifica*) presentan una coloración menos brillante con respecto a los del Golfo (*U. l. leucogastra* y *U. l. musica*) o la Península de Yucatán (*U. l. bracyura*). Esto puede ser que las condiciones climáticas de las selvas del Pacífico son más secas a comparación de las del Golfo y la Península, que son más húmedas (Rzedowski, 2006), lo que podría resultar en un mimetismo con el ambiente seco o húmedo para evitar a los depredadores. La base genética también puede estar ocasionando esta diferencia entre patrones de plumaje. Las diferencias que presentan los tamaños de colas y tarsos entre las poblaciones pueden ser reflejo de adaptaciones a las condiciones de la vegetación. Sin embargo sería necesario ampliar el número de muestra, así como realizar un estudio del hábitat más detallado, para determinar los factores que están influyendo directamente la estructura de las poblaciones de *Uropsila leucogastra*.

Con base a los resultados tanto genéticos como morfológicos, se propondrían tres nuevas especies: *Uropsila pacifica* para las poblaciones distribuidas en el Pacífico, *Uropsila leucogastra* para las poblaciones distribuidas a lo largo del Golfo de México hasta el Istmo de Tehuantepec y *Uropsila brachyura* para las poblaciones que se distribuyen a lo largo de la Península de Yucatán. Se define esto con que no existe un contacto entre poblaciones desde el Pleistoceno por barreras geográficas y reproductivas.

De la sub-especie *U. l. musica* con la falta de datos en este trabajo, no se puede cuestionar su validez biológica.

c)Conservación:

Palomera-García, et al, 2007 indican que *Uropsila leucogastra* no se encuentra en ninguna categoría de conservación dentro de la Norma Oficial Mexicana-059-SEMARNAT-ECOL-2010, así como en alguna categoría de riesgo dentro de la clasificación global de Birdlife (2005), y para CITES en el 2005 no entra en ninguna de sus categorías de conservación. La lista roja de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN) en el 2012 la clasifica como una especie de preocupación menor, partiendo del rango de distribución calculado a más de 20,000 km² desconociendo la tendencia poblacional de esta especie (BirdLife International, 2009).

Con lo que se infiere en el trabajo de campo y de gabinete, esta especie se conserva en poblaciones grandes como el caso de Chamela en Jalisco o Ría Lagartos en Yucatán gracias al nivel de conservación que presentan las zonas. Pero sin duda, si nos desplazamos a áreas dentro de la zona donde el impacto del ser humano es visible, lo más probable es que las poblaciones estén disminuyendo. En el caso donde la vegetación ha sido modificada casi en su totalidad para uso extractivo, las poblaciones de esta especie han ido desapareciendo como en el caso de Tres Zapotes en Veracruz, donde esta especie se localizaba a mediados del siglo pasado.

CONCLUSIONES.

La historia evolutiva de las poblaciones de *Uropsila leucogastra* en México está dada gracias a eventos climáticos y geográficos ocurridos durante el Plioceno tardío e inicios del Pleistoceno. Esto nos lleva a proponer 3 nuevas especies: *U. pacifica*, *U. leucogastra* y *U. brachyura*; debido a que se encuentran aisladas genéticamente y a que los resultados morfológicos también apoyan esta separación.

Con el fin de determinar los procesos filogeográficos dentro de estos tres linajes, se necesitaría ampliar el número de muestras en todas las área de distribución de *Uropsila leucogastra* lo cual es bastante difícil en la parte no peninsular del país, debido a la fragmentación del hábitat así como a la misma biología de la especie. Lo que se complementaría con recurrir a más ejemplares depositados en otras colecciones ornitológicas.

Se tendrían que hacer más estudios ecológicos y ambientales enfocados a *Uropsila leucogastra* cuya distribución potencial es muy amplia, y así poder entender como el impacto del ser humano o cambios naturales en el hábitat de este especie, han ido modificando las condiciones con las cuales esta ave pudo distribuirse en ambas vertientes del país y disminuir su área de distribución.

LITERATURA CITADA.

- A.O.U 1998. Check-List of North American birds: The species of birds of North America from the Arctic through Panama, Including the West Indies and Hawaiian Islands. 7th edition. Lawrence, Kansas. P 535.
- Avise J. C., Arnold J., Ball R. M., Lamb T., Neigel J., Ree C., Saunders N., 1987. Intraspecific phylogeography: The Mitochondrial DNA Bridge between Population Genetics and Systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 18:89-522.
- Avise, J. C. 1995. Mitochondrial DNA Polymorphism and Connection Between Genetics and Demography of Relevance to Conservation. *Conservation Biology* 9 (3): 686-690.
- Avise J. C. 1999. *Phylogeography: the History and Formation of Species*. Harvard, Cambridge. P.125-142
- Barker, F. K., 2004. Monophyly and relationships of wrens (Aves: Troglodytidae): a congruence analysis of heterogeneous mitochondrial and nuclear DNA sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 31: 486-504.
- Bandelt H-J, Forster P, Röhl A (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology Evolution* 16:37-48.
- BirdLife International 2009. *Uropsila leucogastra*. In: IUCN 2011. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2011.2. <www.iucnredlist.org>. Downloaded on 11 January 2012.
- CONABIO, 2006. Capital natural y bienestar social. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México. P. 21-29.

- Cracraft J. 1983. Species concepts and speciation analysis. *Current Ornithology* 1:159-187.
- Del Hoyo, J; Elliott, A & Christie, D.A eds. 2005. Handbook of the Birds of the World.Vol. 10. Cuckoo-shrikes to Trushes. Lynx Editions, Barcelona.
- Drummond AJ & Rambaut A (2007) "BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees." *BMC Evolutionary Biology* 7: 214.
- Eguiarte L. E., Souza V., y Aguirre X., 2007. Ecología molecular Instituto Nacional de Ecología, Semarnat, México, D.F. P 441-490.
- García-Moreno J, Arctander P, Fjeldså J. 1999). A case of rapid diversification in the neotropics: Phylogenetic relationships among *Cranioleuca* spinetails (Aves, Furnariidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 12: 273–281.
- Gould, J. 1836. Exhibition of birds allied to the European Wren, with characters of new species. *Proceedings of the Zoological Society of London* 4: 88-90.
- Hackett, S.J. 1996. Molecular phylogenetics and biogeography of tanagers in the genus *Ramphocelus* (Aves). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 5: 368–382.
- Hajibabaei M, Janzen D.H, Burns J.M, Hallwachs W, Hebert P.D.N .2006. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 103, 968 – 971.
- Hall TA: BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 1999, 41:95-98.

- Hebert P., Stoeckle M., Zemplak T., Francis C., 2004. Identification of Birds through DNA Barcodes. *PLoS Biol* 2(10): 312.

- Hernández-Baños B. E. 2007. Filogeografía de aves mexicanas. En Luis Eguiarte, Valeria Souza, Xitlali Aguirre, Editores. *Ecología Molecular* (467-490). México.

- Hijmans, R.J., Guarino, L., Bussink, C., Mathur, P., Cruz, M., Barrentes, I. et al. 2004. DIVA-GIS. A geographic information system for the analysis of species distribution data. (manual available at: <http://www.diva-gis.org>).

- Howell, S.N & Webb, S. 1995. *A guide to the Birds of Mexico and Northern Central America*, Oxford University Press. UK. Pp. 885.

- Kerr K.C.R, Lijtmaer D.A, Barreira A.S, Hebert P.D.N, Tubaro P.L. 2009. Probing Evolutionary Patterns in Neotropical Birds through DNA Barcodes. *PLoS ONE* 4(2): e4379. doi:10.1371/journal.pone.0004379.

- Klicka J., Zink M. R. 1997. The Importance of Recent Ice Ages in Speciation: A Failed Paradigm. *Science*, 277: 1666-1669.

- Klicka, J., Zink M. R. 1999. Pleistocene phylogeographic effects on avian evolution. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B*. 266:695-700.

- Klicka J., Fry A.J., Zink R. M., y Thompson C. W., 2001. A Cytochrome-b Perspective on Passerina Bunting Relationships. *The Auk* 118(3):611-623.

- Lawrence, G.N. 1887. Descriptions of new species of birds of the families Sylviidae, Troglodytidae and Tyrannidae. *Ann.N.Y. Acad.Sci.* 4:66-68.

- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452 | doi: 10.1093/bioinformatics/btp187.
- Lovette, 2005. Glacial cycles and the tempo of avian speciation. *TRENDS in Ecology and Evolution* Vol.20 No.2 February.
- Luna-Vega I., 2008. Aplicaciones de la biogeografía histórica a la distribución de las plantas mexicanas. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 79: 217- 241.
- Mann, Nigel; Keith, B; Jeff, G; Kimberly, A; and Peter, J. 2006. Molecular data delineate four genera of “*Thryothorus*” wrens. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40: 750–759.
- Márquez-Valdemar, L. M. 1998. Monografía de las especies mexicanas de la familia Troglodytidae (Aves). Tesis de Maestría. Facultad de Ciencias, UNAM.
- Márquez-Valdemar, L. M. 1987. Contribución al conocimiento de la biología de *Uropsila leucogastra* (Troglodytidae: Aves) en la región de Chamela, Jalisco. Tesis de licenciatura. Facultad de Ciencias, UNAM.
- Miller, Alden; Herbert, F; Ludlow, G & Robert, Moore. 1957. Disributional Check-List of the Birds of Mexico. Part II, Barkeley, California. P. 166.
- Moritz C, Cicero C. 2004. DNA barcoding: Promise and pitfalls. *Plos Biology* 2: 1529–1531.
- Navarro-Sigüeza, A.G & A.T. Peterson. 2004. *Biota Neotropica* 4 (2): 1-32.

- Nelson, E. 1897. Preliminary description of new birds from Mexico and Guatemala in the Collection of the U.S Department of Agr. Auk 14: 42-76.
- Nelson, 1903. Descriptions of new birds from southern Mexico. Proc. Biol. Soc. Wash. 16: 151-160.
- Newton I., 2003. The speciation and biogeography of birds. Amsterdam Academic.
- Nixon, K. C. y Q. D. Wheler. 1990. An amplification of the phylogenetics species concept. Cladistics 6:211-223.
- Noguera, F.A; J. H. Veaga Rivera, A.N. García Aldrete y M. Quesada Avendaño (Editores). 2002. Historia Natural de Chamela. Instituto de Biología, UNAM. México. P. 347-349.
- Palomera-García, C., Santana, E., Contreras-Martínez, S. y Amparán, R. 2007. JALISCO. En Oríz-Pulido, R., Navarro-Sigüeza, A., Gómez de Silva, H., Rojas-Soto, O. y Peterson, T.A. (Eds.), Avifaunas Estatales de México. CIPAMEX. Pachuca, Hidalgo, México. Pp. 1-48.
- Peters, James. 1960. Check-list of birds of the world, Ed. By Ernest Mayr & James C. Greenway, Jr. Vol II. Cambridge, Massachusetts: Museum of Comparative Zoology. P. 430-431.
- Phillips, A. R. 1986. The known birds of North and Middle America. Part I. Hirundinidae to Mimidae, Certhidae. Published by A.R.P; Colorado, USA. Troglodytidae 109-174; 229 pp.
- Posada D. y Crandall K.A., 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution. Bioinformatics 14 (9): 817-818.

- Rzedowski J., 2006. Vegetación de México. 1ra. Edición digital, Comisión Nacional para el conocimiento y uso de la Biodiversidad. México.
- SEMARNAT (Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales), 2010. “Norma Oficial Mexicana NOM-059-ECOL-SEMARNAT-2010”. Diario Oficial de la Federación.
- Smithe, Frank B. 1975. Naturalist’s color guide. The American Museum of Natural History. New York.
- Smith M.A, Poyarkov N.I and Hebert P.D.N. 2008. COI DNA barcoding amphibians: take the chance, meet the challenge. Mol. Ecol. Notes 8: 235-246.
- Sutton, G.M. 1948. The nest and eggs of the white-bellied wren. Condor 50(3): 101-112.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, and Kumar S (2011) MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. Molecular Biology and Evolution 28: 2731-2739.
- Ward R.D, Zemlak T.S, Innes B.H, Last P.R, Hebert P.D.N.2005. DNA barcoding Australia’s fish species. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences, 360, 1847–1857.
- Yoo H.S, Eah J.Y, Kim J.S, Kim Y.J, Min M.S, Paek W.K, Lee H, and Kim C.B.2006. DNA barcoding Korean birds. Mol. Cells 22: 323-327.
- Zink, Robert. 1996. Comparative Phylogeography in North American Birds. Evolution 50 (1): 308-317.

Anexo . Datos del catálogo, colecta y merísticos de los ejemplares de *Uropsila leucogastra* utilizados en este estudio.

Clave de la CNAV-IBUNAM del Ejemplar	Clave y número de catálogo de colecta	Latitud	Longitud	Subespecie	Estado	Localidad	Fecha de colecta	Sexo	Tamaño de Gónadas (mm)	Pico (mm)	Tarso (mm)	Cuerda Alar (mm)	Cola (mm)	Peso (gr)
1.-P005195	GG-122	19.527222	-105.07	<i>U.l.pacifica</i>	Jalisco	Estación de Biología, Chamela	25/05/1975	X	X	15.61	15.05	46.66	28.14	7
2.-P005196	GG-137	19.527222	-105.07	<i>U.l.pacifica</i>	Jalisco	Estación de Biología, Chamela	27/05/1974	H	4x3	14.81	15.81	47.03	29.05	7.5
3.-P005197	GG-138	19.527222	-105.07	<i>U.l.pacifica</i>	Jalisco	Estación de Biología, Chamela	27/05/1974	M	5x3	14.89	16.43	45.37	31.75	8
4.-P026015	KSW-3217	19.527222	-105.07	<i>U.l.pacifica</i>	Jalisco	Estación de Biología, Chamela	18/10/1999	M	X	13.42	15.77	43.71	32.41	8.3
5.-P026016	KSW-3267	19.527222	-105.07	<i>U.l.pacifica</i>	Jalisco	Estación de Biología, Chamela	22/10/1999	H	X	13.96	16.26	43.37	27.11	9.5

Clave de la CNAV-IBUNAM del Ejemplar	Clave y número de catálogo de colecta	Latitud	Longitud	<i>Subespecie</i>	Estado	Localidad	Fecha de colecta	Sexo	Tamaño de Gónadas (mm)	Pico (mm)	Tarso (mm)	Cuerda Alar (mm)	Cola (mm)	Peso (gr)
6.-P005193	PSM-500	23.3333	-97.9667	<i>U.l. leucogastra</i>	Tamaulipas	Zamorina, 30 min NNE de Aldama	10/05/1949	M	4.4x3.6	13.02	16.86	49.97	25.8	10
7.-P005194	RRG-2299	22.255278	-97.8686	<i>U.l. leucogastra</i>	Tamaulipas	8 minutos al N de Tampico	27/06/1953	M	6.7x3.8	13.33	16.44	46.77	26.23	9.5
8.-P020017	MGS-83	22.2533667	-97.8776	<i>U.l. leucogastra</i>	Tamaulipas	Río Sabinas, Tampico	27/06/1948	M	X	14.73	16.64	43.88	26.69	10
9.-P028950	MAGH09-075	23.7675	-98.2077	<i>U.l. leucogastra</i>	Tamaulipas	Soto la Marina, 5km al O de Vista Hermosa, Rancho San Pablo	31/05/2009	H	4X3	14.87	15.91	46.77	27.12	8.4

Clave de la CNAV-IBUNAM del Ejemplar	Clave y número de catálogo de colecta	Latitud	Longitud	Subespecie	Estado	Localidad	Fecha de colecta	Sexo	Tamaño de Gónadas (mm)	Pico (mm)	Tarso (mm)	Cuerda Alar (mm)	Cola (mm)	Peso (gr)
10.- P028914	MAGH09-039	23.7675	-98.2077	<i>U.l. leucogastra</i>	Tamaulipas	Soto la Marina, 5km al O de Vista Hermosa, Rancho San Pablo	30/05/2009	M	5x2	15.49	16.6	43.55	28.65	9.4
11.- P028979	MAGH09-104	23.7675	-98.2077	<i>U.l. leucogastra</i>	Tamaulipas	Soto la Marina, 5km al O de Vista Hermosa, Rancho San Pablo	01/06/2009	M	4x2	14.4	17.19	44.2	29.49	X
12.- P020016	X	18.4667	-95.45	<i>U.l. leucogastra</i>	Veracruz	Santiago Tuxtla, Tres Zapotes	18/03/1940	M	X	12.93	16.73	49.12	28.16	X
13.- P029646	LFLF10-092	19.6083	-96.4	<i>U.l. leucogastra</i>	Veracruz	Actopan, "La Mancha", Rancho San Antonio	22/06/2010	M	7x3	15.13	17.62	44.99	29.47	X

Clave de la CNAV-IBUNAM del Ejemplar	Clave y número de catálogo de colecta	Latitud	Longitud	Subespecie	Estado	Localidad	Fecha de colecta	Sexo	Tamaño de Gónadas (mm)	Pico (mm)	Tarso (mm)	Cuerda Alar (mm)	Cola (mm)	Peso (gr)
14.-P029645	LFLF10-091	19.6083	-96.4	<i>U.l. leucogastra</i>	Veracruz	Actopan, “La Mancha”, Rancho San Antonio	22/06/2010	H	2x1	15.16	17.11	46.08	27.16	X
15.-P029421	LFLF10-061	19.6083	-96.4	<i>U. l. leucogastra</i>	Veracruz	Actopan, “La Mancha”, Rancho San Antonio	23/04/2010	M	6x4	11.5	17.95	45.74	32.54	
16.-P020014	WJS-11933	16.872222	-95.0416	<i>U.l. musica</i>	Oaxaca	4 min. N y 2 min. E de Matías Romero	18/05/1962	M	8x5	14.95	16.02	43.45	28.03	X
17.-P020015	WJS-8207	16.872222	-95.0416	<i>U.l. musica</i>	Oaxaca	30 min. O de Matías Romero	21/02/1960	H	X	14.32	16.53	43.5	28	X
18.-P020018	WSJ-12002	16.9867889	-95.0034	<i>U.l. musica</i>	Oaxaca	27 Km E.N.E de Piedra Blanca, Mpio. San Juan Guichicovi	21/05/1962	M	3x3	15.1	14.61	42.37	26.51	X

Clave de la CNAV-IBUNAM del Ejemplar	Clave y número de catálogo de colecta	Latitud	Longitud	Subespecie	Estado	Localidad	Fecha de colecta	Sexo	Tamaño de Gónadas (mm)	Pico (mm)	Tarso (mm)	Cuerda Alar (mm)	Cola (mm)	Peso (gr)
19.-P024860	ASJ-066	18.03333	-96.1727	<i>U.l. leucogastra</i>	Oaxaca	Tuxtepec, Sebastopol	13/04/1995	M	5x2	13.84	16.99	41.17	28.96	10
20.-P028266	BTS08-434	18.76583	-90.6666	<i>U.l. brachyura</i>	Campeche	4Km N de Escárcega	21/06/2008	M	10x8	15.16	17.35	38.17	28.06	11
21.-P028250	BTS08-386	18.76583	-90.66666	<i>U.l. brachyura</i>	Campeche	4Km N de Escárcega	20/06/2008	X	X	15.43	17.7	42.31	25.53	9.6
22.-P028249	BTS08-384	18.76583	-90.66666	<i>U.l. brachyura</i>	Campeche	4Km N de Escárcega	20/06/2008	X	X	15.79	16.64	45.24	29.48	x
23.-P028236	BTS08-351	18.76583	-90.66666	<i>U.l. brachyura</i>	Campeche	4Km N de Escárcega	19/06/2008	M	6x4	15.05	18.31	46.02	29.26	10.5
24.-P023662	CAM-223	21.51583	-87.67833	<i>U.l. brachyura</i>	Yucatán	4.4 Km al Sur del Cuyo, R de la B Ría Lagartos	11/11/1995	H	2.3x1.5	14.71	17.86	38.47	28.63	9
25.-P023663	CAM-055	21.51583	-87.67833	<i>U.l. brachyura</i>	Yucatán	4.4 Km al Sur del Cuyo, R de la B Ría Lagartos	13/03/1995	M	.5x.5	15.57	18.67	47.31	31.53	9

Clave de la CNAV-IBUNAM del Ejemplar	Clave y número de catálogo de colecta	Latitud	Longitud	Subespecie	Estado	Localidad	Fecha de colecta	Sexo	Tamaño de Gónadas (mm)	Pico (mm)	Tarso (mm)	Cuerda Alar (mm)	Cola (mm)	Peso (gr)
26.-P023665	CAM-048	21.51583	- 87.67833	<i>U.l. brachyura</i>	Yucatán	4.4 Km al Sur del Cuyo, R de la B Ría Lagartos	12/03/1995	H	5x3	15.03	18.79	42.56	31.03	10.5
27.-P023664	CAM-048	21.51583	- 87.67833	<i>U.l. brachyura</i>	Yucatán	4.4 Km al Sur del Cuyo, R de la B Ría Lagartos	12/03/1995	M	1x1	14.15	18.52	45.17	31.36	9
28.-P023661	CAM-224	21.51583	- 87.67833	<i>U.l. brachyura</i>	Yucatán	4.4 Km al Sur del Cuyo, R de la B Ría Lagartos	11/11/1995	M	.5X.5	15.18	18.87	38.83	31.3	9
29.-P025486	KSW-1986	19.71666	-87.8	<i>U.l. brachyura</i>	Quintana Roo	Estación Sta. Teresa, R de la B, Sian Ka'an	15/12/1986	M	1x1.5	15.75	18.9	43.34	32.05	9.5
30.-P029632	MDC10-138	18.583333	-88.2333	<i>U.l. brachyura</i>	Quintana Roo	P. Blanco, Mpio. Othon P.	26/06/2010	X	X	14.27	16.44	48.14	27.17	X

Clave de la CNAV-IBUNAM del Ejemplar	Clave y número de catálogo de colecta	Latitud	Longitud	Subespecie	Estado	Localidad	Fecha de colecta	Sexo	Tamaño de Gónadas (mm)	Pico (mm)	Tarso (mm)	Cuerda Alar (mm)	Cola (mm)	Peso (gr)
31.-P025483	CAM-585	19.38333	-87.7916	<i>U.l. brachyura</i>	Quintana Roo	Estación Sta. Teresa, R de la B, Sian Ka'an	17/12/1997	H	X	15.36	16.37	42.86	31.77	6
32.-P025484	CAM-586	19.38333	-87.79166	<i>U.l. brachyura</i>	Quintana Roo	Estación Sta. Teresa, R de la B, Sian Ka'an	17/12/1997	M	X	12.42	18.86	44.68	32.72	9

